云 南 植 物 研 究6（4）：447—451，1984
Acta Botanica Yunnanica

# 侧柏和福建柏染色体核型的研究*

李林初　　徐炳声

（复旦大学生物系）

侧柏（*Platycladus orientalis*（L.）Franco）和福建柏（*Fokienia hodginsii*（Dunn）Henry et Thomas）分别隶属于柏科（*Cupressaceae*）的两个单种属——侧柏属（*Platycladus*）和福建柏属（*Fokienia*），除了在朝鲜和越南北部有分布外，均只产我国[2]。这两种乔木材质细密，坚实耐用，可供建筑、家具、农具等用材。侧柏除常栽培作庭园绿化、观赏树种外，它的种子与鳞叶小枝还可入药作强壮滋补剂和健胃药。福建柏有生长快、材质好的特性，可选作造林树种。福建柏还是我国的珍贵树木，被列为国家二级重点保护植物。

关于侧柏的染色体资料，仅见Kuo等[4]作过它的核型分析。福建柏则除日诘等[1]记载过它的染色体数目外，其染色体核型尚未见报道。本文在观察、比较侧柏和福建柏染色体核型的基础上对它们之间的亲缘关系进行了探讨。笔者希望这项工作对这两个树种的育种实践提供有参考价值的资料。

## 材 料 和 方 法

**材料**　本试验所用的侧柏种子采自复旦大学校园，凭证标本李林初82-2。福建柏种子由浙江省龙泉县凤阳山自然保护区提供，凭证标本樊子才10092。以上标本均存复旦大学生物系植物标本室。

**制片技术**　试验种子用60°C温水浸泡4小时后拌入蛭石中保湿25°C恒温培养，10天左右后长出1.5厘米左右的胚根。将后者置0.002$M$ 8-羟基喹啉水溶液中预处理7—8小时，清洗后用3：1 95％乙醇-冰醋酸混合液固定24小时，水洗后用60°C 1$N$ HCl解离5分钟左右，用改良的苯酚品红染色、压片，选取染色体分散良好的制片冰冻揭盖片，待自然干燥后用中性树胶封固成永久片。

**核型分析**　挑选侧柏和福建柏染色体分散良好、着丝点清晰的中期分裂相用100×油镜显微摄影，对放大的照片染色体进行测量、计算、配对，分别组成图1、图2，根据5个细胞的平均值制成表1—Ⅰ、Ⅱ，并据此绘成图3、图4。

---

本文于1983年10月4日收到。

*承浙江省龙泉县凤阳山自然保护区提供福建柏种子，复旦大学傅文瑜、施慧莉、袁汉英协助摄影、洗放照片，特此致谢。

表1 侧柏和福建柏染色体核型的比较

| 分类群 | 染色体编号 | 染色体绝对长度（微米） | | | 相对长度（%） | 臂比率（长/短） | 着丝点位置 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 全长 | 短臂 | 长臂 | | | |
| Ⅰ. 侧柏 (*Platycladus orientalis*) | 1 | 11.20 | 5.43 | 5.77 | 11.46 | 1.06 | m |
| | 2 | 10.10 | 4.68 | 5.42 | 10.34 | 1.16 | m |
| | 3 | 9.31 | 4.44 | 4.87 | 9.53 | 1.10 | m |
| | 4 | 8.98 | 4.06 | 4.92 | 9.19 | 1.21 | m |
| | 5 | 8.73 | 3.94 | 4.79 | 8.93 | 1.22 | m |
| | 6 | 8.66 | 4.21 | 4.45 | 8.86 | 1.06 | m |
| | 7 | 8.57 | 3.90 | 4.67 | 8.77 | 1.20 | m |
| | 8 | 8.23 | 3.81 | 4.42 | 8.42 | 1.16 | m |
| | 9 | 8.20 | 3.96 | 2.98+(1.26) | 8.39 | 1.07 | m* |
| | 10 | 8.00 | 3.53 | 4.47 | 8.19 | 1.27 | m |
| | 11 | 7.73 | 3.77 | 1.65+(2.31) | 7.91 | 1.05 | m* |
| Ⅱ. 福建柏 (*Fokienia hodginsii*) | 1 | 12.77 | 5.80 | 6.97 | 12.64 | 1.20 | m |
| | 2 | 11.44 | (1.37)+4.09 | 5.98 | 11.32 | 1.29 | m* |
| | 3 | 9.93 | 4.81 | 5.12 | 9.83 | 1.06 | m |
| | 4 | 9.31 | 4.08 | 5.23 | 9.22 | 1.28 | m |
| | 5 | 9.20 | 4.35 | 4.85 | 9.11 | 1.11 | m |
| | 6 | 8.82 | 3.97 | 4.75 | 8.73 | 1.22 | m |
| | 7 | 8.36 | 3.95 | 4.41 | 8.28 | 1.12 | m |
| | 8 | 8.23 | (1.49)+1.97 | 4.95 | 8.15 | 1.51 | m* |
| | 9 | 7.99 | 3.66 | 4.33 | 7.91 | 1.18 | m |
| | 10 | 7.76 | 3.47 | 4.29 | 7.68 | 1.24 | m |
| | 11 | 7.21 | 2.92 | 4.29 | 7.14 | 1.47 | m |

* 为具次缢痕染色体。

侧柏染色体组总长度=97.71微米；福建柏染色体组总长度=101.02微米。

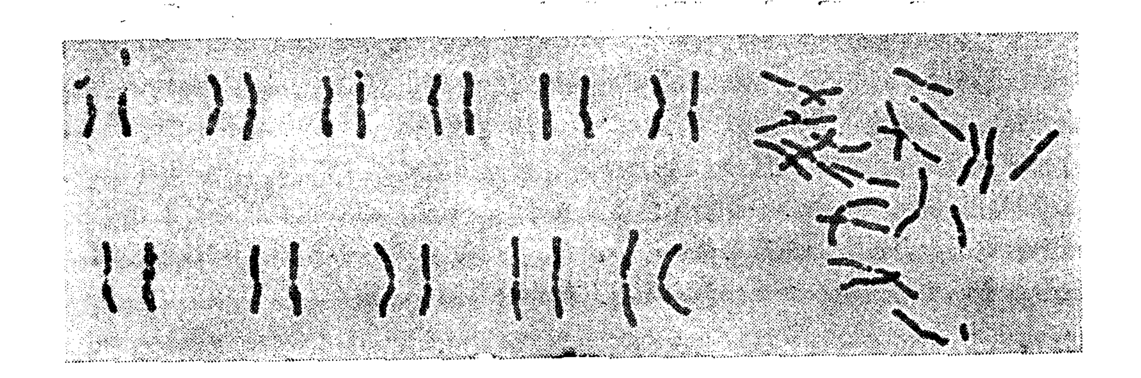


图1 侧柏染色体核型

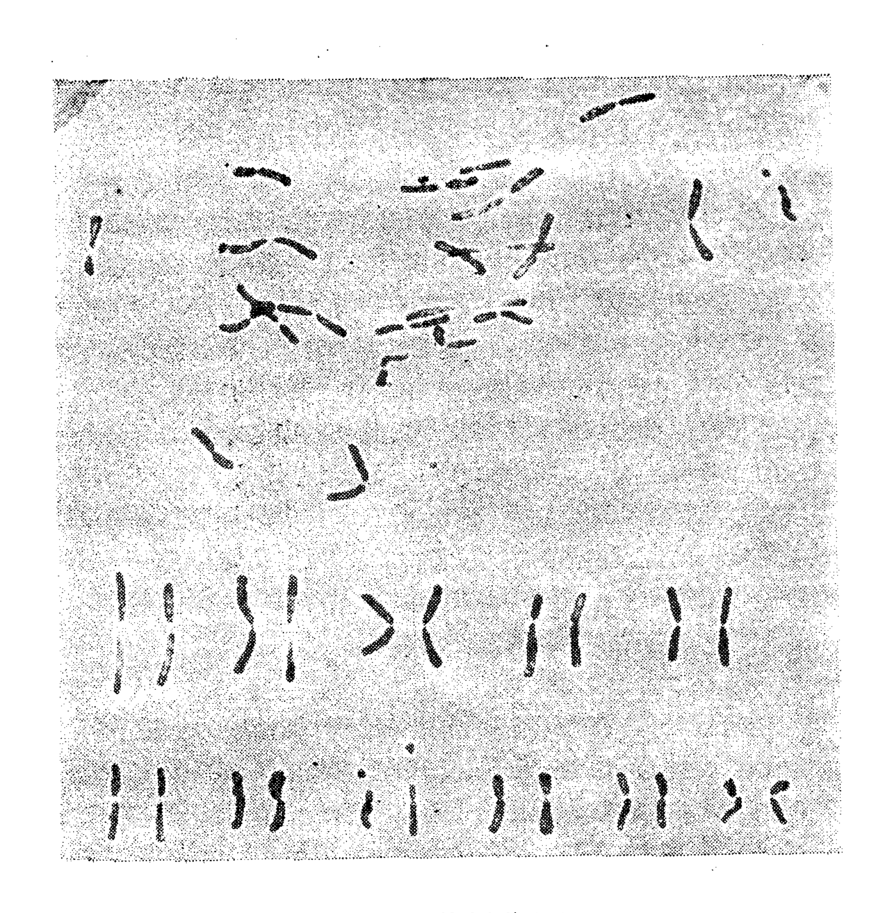


图 2　福建柏染色体核型

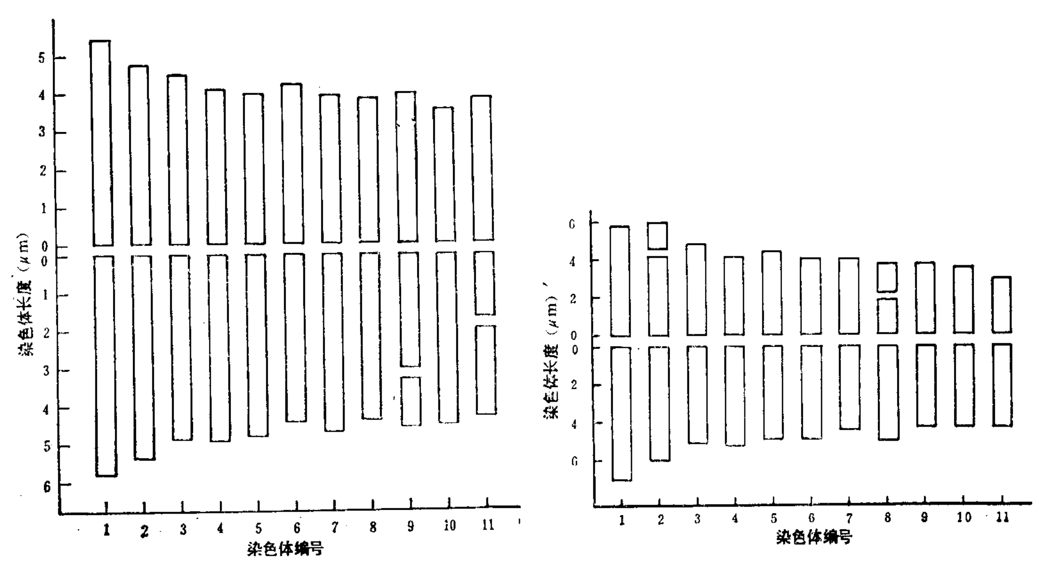



图 3　侧柏染色体核型模式图

图 4　福建柏染色体核型模式图

# 结 果 和 讨 论

从侧柏和福建柏的大量制片中，各观察了50个细胞进行染色体计数，结果表明二者根尖细胞的染色体数目均为2n＝22，未发现非整倍性变异和多倍现象，也未见B染色体。如图1、图3和表1—Ⅰ所示，按Levan等[5]的分类标准，侧柏的染色体组成为2n＝4m（SAT）＋18m，染色体组总长度为97.71微米，最长染色体与最短染色体之比为1.47，与Kuo等[4]的研究基本相符。如图2、图4和表1—Ⅱ所示，福建柏的染色体组成为2n＝4m（SAT）＋18m，染色体组总长度为101.2微米，最长染色体与最短染色体之比为1.77。日诘等[1]所记载的福建柏的染色体数目与我们的相同。

侧柏和福建柏的染色体核型都由差不多大小而且都具中部着丝点的染色体构成，所以均属Stebbins[6]的“对称核型”。Stebbins[7，8]把染色体长度的变化和染色体臂比的大小作为判定核型不对称性的二个主要依据。他按核型中最长染色体和最短染色体之比以及臂比大于2的染色体在染色体组中所占的比例，把染色体核型的不对称程度分成12个等级。侧柏和福建柏的染色体核型均由长度变化不大和臂比小于2的染色体构成，因此两者都属“1A”型，这是一种最为整齐的对称核型，表明它们在进化上都比较原始。

比较侧柏和福建柏的核型，有如下主要差别：（1）次缢痕的位置不同：侧柏的第9、11对染色体为随体染色体，次缢痕均位于长臂上，而福建柏的次缢痕则位于第2、8对染色体的短臂上；（2）染色体长度的差异：侧柏染色体组的相对长度变异幅为7.90—11.46，相对长度差值为3.55，而福建柏染色体组的相对长度变异幅为7.14—12.64，相对长度差值达5.50，比侧柏大55%；（3）染色体臂比的差别：侧柏的染色体臂比幅度为1.05—1.27，臂比差值为0.22，而福建柏的臂比幅为1.06—1.51，臂比差值0.45，比侧柏大105%。尽管这些差异不算很大，但还是表明福建柏的核型不及侧柏来得整齐，从而说明福建柏具有比侧柏进化的趋势。

陈可詠[3]报道福建柏的染色体数目为2n＝24，基数x＝12，同时介绍柏科中至今已经报道的12属48种植物的染色体数全部为2n＝22，因此他认为福建柏是柏科中的唯一例外，福建柏属则是柏科中的特殊一属。他的研究结果与我们的有较大出入。

## 参考文献

〔1〕 日诘雅博・田中隆庄，1979：裸子植物の染色体。遺伝（日）33（6）：31—38.
〔2〕 郑万钧、傅立国，1978：中国植物志（第七卷），科学出版社。
〔3〕 陈可詠，1983：福建柏属的染色体数。植物学报，25：120—122。
〔4〕 Kuo, S. R. et al., 1972：Karyotype Analysis of Some Formosan *Gymnosperms*. *Taiwania*, 17（1）：60—80.
〔5〕 Levan, A. et al., 1964：Nomenclature for Centromeric Position on Chromosomes. *Hereditas*, 62：201—220.
〔6〕 Stebbins, G. L., 1957：Variation and Evolution in Plants. Columbia University Press.
〔7〕 Stebbins, G. L., 1958：Longevity, Habitat, and Release of Genetic Variability in the Higher

Plants. *Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.*, 23 : 365—378.
[8] Stebbins, G. L., 1971 : Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold, London.

# KARYOTYPE ANALYSES IN PLATYCLADUS ORIENTALIS AND FOKIENIA HODGINSII

Li Linchu and Hsu Pingsheng

*(Department of Biology, Futan University)*

**Abstract** The present work deals with a study of the karyotypic analyses for two species of Cupressaceae——*Platycladus orientalis* (L.) Franco and *Fokienia hodginsii* (Dunn) Henry et Thomas. The karyotype of the latter is reported for the first time. The number of somatic chromosomes in root tip cell of the two species was found to be 2n=22. According to the terminology defined by Levan et al.[5], the karyotypes are all 2n=22=4m (SAT)+18m, both belonging to Stebbins'[7, 8]"1A" type of karyotypic symmetry, and should therefore be generally considered as rathet primitive ones. But the differences in both length and arm-ratio of chromosomes have shown that the karyotype of *Fokienia hodginsii* is less symmetrical than that of *Platycladus orientalis*. The former may be a little more advanced than the latter.

Recently, Chen Ke-youn[3] reported karyotype of *Fokienia hodginsii*, and the chromosome number was said to be 2n=24. Owing to the results of Chen's study being quite different from ours, it seems desirable to carry out a further study with regard to the reason for inconsistency.